



Sequence Revision History

[PubMed](#)[Nucleotide](#)[Protein](#)[Genome](#)[Structure](#)[PMC](#)[Taxonomy](#)[OMIM](#)[G](#)**Find** (Accessions, GI numbers or Fasta style Seqlds) AF326353[About Entrez](#)

Revision history for AF326353

[Entrez](#)

Search for Genes
LocusLink provides curated
information for human, fruit
fly, mouse, rat, and
zebrafish

[Help](#) | [FAQ](#)

Batch Entrez: Upload a
file of GI or accession
numbers to retrieve
protein OR nucleotide
sequences

Check sequence
revision history

How to create WWW
links to Entrez

[LinkOut](#)[Cubby](#)

Related resources

[BLAST](#)[Reference sequence project](#)[LocusLink](#)[Clusters of orthologous groups](#)[Protein reviews on the web](#)

GI	Version	Update Date	Status
16797891	1	Nov 8 2001 12:04 AM	Live

Accession AF326353.1 was first seen at NCBI on Nov 8 2001 12:04 AM

[Disclaimer](#) | [Write to the Help Desk](#)
[NCBI](#) | [NLM](#) | [NIH](#)

EXHIBIT A

Align two sequences

Wed Mar 23 18:20:39 "GMT 2005

```
/usr/tmp/seq1.104490.sca : 261 aa
>109 AA, 261 bases, F75295DD checksum.          261 aa vs.
>SEQ ID NO:2, 261 bases, 4B98E4F0 checksum.      261 aa
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
99.6% identity;          Global alignment score: 1734
```

```
      10      20      30      40      50      60
/usr/t MGS LPSRRKSLPSPSLSSSVQGQGPVTMEAERSKATAVALGSFPAGGPAELSLRLGEPLT
      .....
SEQ    MGS LPSRRKSLPSPSLSSSVQGQGPVTMEAERSKATAVALGSFPAGGPAELSLRLGEPLT
      10      20      30      40      50      60

      70      80      90     100     110     120
/usr/t IVSE DGDWWTVLSEVSGREYNIPSVHVGKVSHGWLYEGLSREKAEELLLPGNPGGAFLI
      .....
SEQ    IVSE DGDWWTVLSEVSGREYNIPSVHVGKVSHGWLYEGLSREKAEELLLPGNPGGAFLI
      70      80      90     100     110     120

     130     140     150     160     170     180
/usr/t RESQTRRGSYSLSVRLSRPASWDRI RHYRIHCLDNGWLYISPRLTFPSLQALVDHYSELA
      .....
SEQ    RESQTRRGSYSLSVRLSRPASWDRI RHYRIHCLDNGWLYISPRLTFPSLQALVDHYSELA
     130     140     150     160     170     180

     190     200     210     220     230     240
/usr/t DDICLLKEPCVLQ RAGPLPGKDIPLPVT VQRTPLNWKELDSSLLFSEAATGEESLLSEG
      .....
SEQ    DDICLLKEPCVLQ RAGPLPGKDIPLPVT VQRTPLNWKELDSSLLFSEAATGEESLLSEG
     190     200     210     220     230     240

     250     260
/usr/t LRESLSFYISLNDEAVSLDDA
      .....
SEQ    LRESLSFYISLNDEAVSLDDA
     250     260
```

Elapsed time: 0:00:00

EXHIBIT B

Align two sequences

Thu Mar 24 02:37:47 "GMT 2005

```
/usr/tmp/seq1.104989.sca : 1183 nt
>87919652 nucleic acid sequence of the '191 appli 1183 nt vs.
>SEQ ID NO:1, 786 bases, EF1BE03B checksum.          786 nt
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
43.4% identity;          Global alignment score: -278
```

```
          10          20          30          40          50
/usr/t CTAGGCA-TCATCCAA--AGA-GACAGCCTCGTCATTCAGGCTGATGTAGAAGCT-GAGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
SEQ    ATGGGAAGTCTGCCCAGCAGAAGAAAATCTCTGC---CAAGCC-----CAAGCTTGAGT
          10          20          30          40          50

          60          70          80          90         100         110
/usr/t GACTCC--CGGAGACCCTCACTGAGAAGAGACTCCTCCCCTGTGGCAGCTTCAGAAAACA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
SEQ    TCCTCTGTCCAAGGCC-----AGGGACCTGTGACCA-TGGAAGC---AGAGAGAA
          60          70          80          90

          120         130         140         150         160         170
/usr/t GGAGGGAGCTGTCCAGCTCTTTCCAGTTGAGTGGTGTCTCTGCACAGTCACAGGTAGGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
SEQ    GCAAGG-----CCA-----CAGCCGTG----GCCCTGGGCAGTTTC-CCGGCAGGT
          100         110         120         130

          180         190         200         210         220         230
/usr/t GTATATCCTTGCCAGGGAGCGGGCCAGCCCTCTGCAG-GACACAGGGCTCC-TTGAGTAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
SEQ    G-----GCC-----CGGCCGAGCTGTC-GCTGAGACTCGGGGAGCCATTGA----
          140         150         160         170

          240         250         260         270         280         290
/usr/t GCAGCAGATGTCATCCGCCAGCTCAGAGTAATGGTCCACCAGGGCCTGGAGTGAGG-GGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
SEQ    -----CCATCGTCTCTGAGGA-----TGGAGACTGGTGGA
          180         190         200

          300         310         320         330         340         350
/usr/t AGGTGAGGCGCGGTGAGATGTACAGCCAGCCATTGTCAAGGCAGTGGATCCTGTAGTGTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
SEQ    CGGTG-----CTGTCTGAAGTC-----TCA-GGCAGAG-----AGTATA
          210         220         230         240

          360         370         380         390         400         410
/usr/t TGATCCGGTCCCAGGATGCAGGGCGGCTGAGGCGGACTGACAGAGAGTAAGAGCCTCTCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
SEQ    ACATC-----CCCAGCGTCCACGTGGCC-----AAAGTCTCCCA
          250         260         270

          420         430         440         450         460         470
/usr/t TGGTCTGGCTCTCCCGGATGAGGAAGGCCCTCCAGGGTTCCAGGTAACAACAGCAGTT
```

EXHIBIT C

```

      :::  :::: :      :::::  :::  :::::  ::  :  ::  :  :
SEQ   TGGG-TGGCTGT-----ATGAGG---GCCTGAGCAGGG-----AGAAAGCAGAGGAACTG
      280          290          300          310          320

      480          490          500          510          520
/usr/t CCTCTGCTTTCT-----CCCTGCTCAGGCCCTCATACAGCCACCCATGGGAGACTTTGCC
      :  :  :  :  :      :::::  :::: :  :      :  :  :  :::::  :  :
SEQ   CTGTTGTTACCTGGGAACCCTGGAGGGGCCTTCCT-----CATCC--GGGAGAGCCAGAC
      330          340          350          360          370

      530          540          550          560          570          580
/usr/t CACGTGGACGCTGGGGATGTTATACTCTCTGCCTGAGACTTCAGACAGCACCGTCCACCA
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
SEQ   CA---GGA---GAGGCTCTTA--CTCTCTG-----TCAGTCCGCCTCAGCCGCC-
      380          390          400          410

      590          600          610          620          630          640
/usr/t GTCTCCATCCTCAGAGACGATGGTCAATGGCTCCCCGAGTCTCAGCGACAGCTCGGCCGG
      :  :::::  :  :      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
SEQ   --CTGCATCCTGGGA-----CCGGA---TCAG--ACA---CTACAGG
      420          430          440

      650          660          670          680          690          700
/usr/t GCCACCTGCCGGGAAACTGCCCAGGGCCACGGCTGTGGCCTTGCTTCTCTCTGCTTCCAT
      :  :::::  :  :  :  :  :      :  :  :  :  :  :  :  :  :
SEQ   ATCCACTGCCTTGACAATGGC-----TGGCTGTACATCTCACC GCGCC---
      450          460          470          480          490

      710          720          730          740          750          760
/usr/t GGTACAGGTCCCTGGCCTTGGACAGAGGAACTCAAGCTTGGGCTTGGCAGAGATTTTCT
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
SEQ   --TCAC-----CTTCCC-----CTCACTCCAGGCCCTGGTGGACCATTACT
      500          510          520

      770          780          790          800          810          820
/usr/t TCTGCTGGGCAGACTTCCCATTGTTTCCTCAGCAGAGCACTCA-GAAGCACATCATCGAGG
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
SEQ   ----CTGAGCTGGCGGATGA-----CATCTGCTGCCTACTCAAGGAGCCC-----
      530          540          550          560          570

      830          840          850          860          870          880
/usr/t GAAATTGGTTTGTTCAT-CAAAGGCTTGGGAAGACAGCTCTGCTGAGACGCATGCTCTGGC
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
SEQ   -----TGTGTCCTGCAGAGG-----GCTG---GCCCCGCTCC--C
      580          590

      890          900          910          920          930          940
/usr/t TGGACAGGTTAGGGCTTTGGGGGCCCTTCTGGAAGTCTGCCAGTGTCTTGGTCCTAGGA
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
SEQ   TGGCAAGGATAT-----ACCC-----CTACCTGTGAC--TGTGCAGAGGA
      600          610          620          630

      950          960          970          980          990          1000
/usr/t CACCCAGAACTCTCTCAGCCTGGGAGGATCTTCAGGGAGAGGCTAGGTGTTGGTTTGGGT
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
SEQ   CACCA-----CTCAAC-TGGAAAGAGCT---GGACAG-CTCCCTCCTGTTTCTGA
      640          650          660          670          680

      1010          1020          1030          1040          1050          1060
/usr/t AGCTCAGCATCTGTCTGCAGTCAGCAGTTTGTACACCAGGGATGGATCAGCTGCCCCATG
```

```
      : : : :      : : :      : : : :      : : : :      : : : :      : :
SEQ   AGCT-----GCCA-----CAGGGGAGGAGTCTCTTCTCAGTG
      690              700              710

      1070      1080      1090      1100      1110
/usr/t CTCCTTAGGGATTCTGGACTGGGGAACCCTCCCAAGC----ACAGCCGAGCCAGGGAGGG
      : : : :      : : :      : : : :      : : : :      : : : :      :
SEQ   -----AGGG--TCT--CCGGGAGTCCCTC---AGCTTCTACATC--AGCCT-----G
      720              730              740              750

      1120      1130      1140      1150      1160      1170
/usr/t AAGGCCCCAGGGCCCTTTGAGCTCTGTACACAGAGACACAGGCGTGGGGTCCTTGGA-GCT-
      : : : :      : : : :      : : : :      : : : :      : : : :      :
SEQ   AATGACGAGG-----CTGTC-----TCTTTGGATGATG
      760              770              780

      1180
/usr/t -CTAGCT
      : : : :
SEQ   CCTAG--
```

Elapsed time: 0:00:00